



TITLE:

# 生物情報ネットワークの解析と制御

AUTHOR(S):

阿久津, 達也

---

CITATION:

阿久津, 達也. 生物情報ネットワークの解析と制御. 京都大学化学研究所  
スーパーコンピュータシステム研究成果報告書 2017, 2016: 23-23

ISSUE DATE:

2017-03

URL:

<http://hdl.handle.net/2433/227955>

RIGHT:

生物情報ネットワークの解析と制御  
Analysis and Control of Biological Information Networks

京都大学化学研究所数理生物情報研究領域 阿久津 達也

研究成果概要

我々は多くの生物情報ネットワークが持つスケールフリー(次数分布のべき乗則)という性質についてこれまで継続して研究してきた。近年は最小支配集合(MDS)を用いたスケールフリーネットワークの制御問題の定式化とその解析を行ってきた。今年度は MDS 中の頂点のうち、すべての MDS に含まれる必須頂点の高速な計算法を開発した。以前に我々が開発した必須頂点の計算法では頂点数の回数だけ MDS 計算を繰り返す必要があったが、事前処理において多くの必須頂点などを求めることにより繰り返しの回数を大幅に削減し、最大で 180 倍の高速化を達成した。この手法を大規模タンパク質相互作用ネットワークの解析に適用した結果、必須頂点は疾患などに関連の深いタンパク質に対応する傾向が高いことなどが見いだされた[1]。また、その研究と並行して、次数相関を持つネットワークの新たな解析法を開発した。この手法はネットワークを正則な部分グラフに分割し、正則部分グラフごとに解析を行い、最後にその結果を統合するというものである。この手法を MDS 解析に適用した結果、「負の次数相関がある場合、MDS サイズが小さくなる」などの性質が導かれた[2]。

一方、我々は遺伝子ネットワークの離散数理モデルであるブーリアンネットワークについても継続して研究してきた。ブーリアンネットワークの制御に必要な最小個数の頂点について研究を行い、整数計画法を用いた最小頂点数の計算手法を開発した。さらに短時間での制御に必要な制御頂点数について理論解析を行い、制御頂点数の上界を与える式を導出するとともに、多数の制御頂点が必要になる場合があることなどを導いた[3]。

発表論文(謝辞なし)

- [1] M. Ishitsuka, T. Akutsu, and J. C. Nacher: Critical controllability in proteome-wide protein interaction network integrating transcriptome, Scientific Reports, 6, 23541, 2016.
- [2] K. Takemoto and T. Akutsu: Analysis of the effect of degree correlation on the size of minimum dominating sets in complex networks, PLoS ONE, 11(6), e0157868, 2016.
- [3] W. Hou, T. Tamura, W-K. Ching, and T. Akutsu: Finding and analyzing the minimum set of driver nodes in control of Boolean networks, Advances in Complex Systems, 19, 1650006, 2016.